



TITLE:

自由8 ヒトウイルスDNAの各種サル染色体への組込み(VI 共同利用研究 2.研究成果)

AUTHOR(S):

田口, 尚弘

CITATION:

田口, 尚弘. 自由8 ヒトウイルスDNAの各種サル染色体への組込み(VI 共同利用研究 2.研究成果). 霊長類研究所年報 1999, 29: 104-104

ISSUE DATE:

1999-11-01

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/165247>

RIGHT:

自由 7

長野県のニホンザル地域個体群の保護
管理を目的とした遺伝的モニタリング法の検討と
応用

森光由樹, 泉山茂之 (野生動物保護管理事務所)

長野県内に生息しているニホンザルの有害駆除頭数は、昨年度815頭にも及んだ。生息地の分断・縮小や増加数を上回る大量捕殺などによりすでにいくつかのニホンザルの地域個体群は絶滅もしくは孤立化が進んでいる。このようなニホンザルがおかれた危機的状況の中で、保護管理のための基礎資料を明らかにし、科学的根拠をもとに保護管理を行うことは、目下の急務である。本研究の目的はミトコンドリアDNAの変異を利用して、地域個体群の関係ならびに地域間の個体移住の状況を調査することで地域個体群の遺伝的モニタリングの方法の検討をおこなうことである。著者らは、昨年度から長野県内の7つの地域個体群（北アルプス・中央アルプス・南アルプス・御獄・南木曾・鬼無里・上信高原）で駆除された個体および学術捕獲した個体、計290個体から分析に必要な試料を採取した。DNA試料の調製は、定法に従ってタンパク質分解酵素で消化後、フェノール・クロロホルムで処理しDNAを抽出した。抽出したDNAからミトコンドリアDNAのDループ可変域、約480塩基対をPCRにて増幅し、シーケンサーにて塩基配列分析を行った。その結果、北アルプス・南アルプス・上越高原の各地域個体群から得られた試料はそれぞれ異なった配列を示し、この方法による遺伝的モニタリングが可能であることを明らかにしえた。今後は、上記の方法を用いて、今までに材料採取した個体の分析を進める予定である。

自由 8

ヒトウイルスDNAの各種サル染色体への
組込み

田口尚弘 (高知医大・第1解剖)

ヒトヘルペスウイルスはヒトにおいては体力の低下時に活性化され病変を引き起こすが、通常、潜在的にウイルスDNAがゲノムに組み込まれていても、問題ないことは知られている。その存在様式はランダムに染色体上に組み込まれているとされている。最近私がヒトヘルペスウイルス6 (HHV-6) DNAをプローブとして蛍光インサイチュウ・ハイブリダイゼーションで調べたヒトの細胞（白血病患者及び正常人由来）では22番染色体長腕の末端部及び1番染色体長腕にその存在を確認した。そこで、ヒト以外の数種の霊長類および類人猿以外のサルにおいて、ヒトと同様な方法でウイルスDNAの存在を調べることを計画した。これまでチンパンジー1例、ニホンザル4例、カニクイザル3例について検索した。チンパンジーでアクロセントリク染色体の末端にシグナルを持つことを観察できた。他のものでは陰性の結果を得ている。また、ウイルスに起源を持つ癌遺伝子Akt 3遺伝子のマッピングをチンパンジーとニホンザルで行った。その結果、チンパンジーでは1番染色体長腕の末端部に、ニホンザルでは1番染色体短腕の末端にそれぞれのシグナルを確認した。癌遺伝子Akt 3の座位はチンパンジーとニホンザルでのシンテニーと一致していた。今後、さらに検索を効率的に進めるために、FISH法に加えて、PRINS法及びPCR法を使った検索を行う予定である。